ПАРАЗИТОЛОГИЯ, 52, 6, 2018

УДК 576.893.192.6 + 578.833.26.083.2 DOI: 10.1134/S0031184718060066

ВЫЯВЛЕНИЕ СПЕКТРА ПАТОГЕНОВ В ИКСОДОВЫХ КЛЕЩАХ ИЗ СОЧЕТАННЫХ ПРИРОДНЫХ ОЧАГОВ ПРИБАЙКАЛЬЯ

© О. В. Мельникова,* Р. В. Адельшин, Ю. Н. Трушина,
Н. В. Яковчиц, Е. И. Андаев

ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский
противочумный институт Роспотребнадзора
ул. Трилиссера, 78, Иркутск, 664047
* E-mail: melnikovaovit@gmail.com
Поступила 04.03.2018

В течение пяти сезонов (2013—2017 гг.) иксодовых клещей из разных районов Прибайкалья исследовали на спектр трансмиссивных патогенов. В порядке возрастания частоты встречаемости выявлены маркеры возбудителей клещевого энцефалита (КЭ), моноцитарного эрлихиоза (МЭЧ), гранулоцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ), иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ) и клещевых риккетсиозов (КР). Наиболее существенные различия зараженности отмечены по пространственно-временны́м и видовым параметрам. Инфицированные клещи *Ixodes persulcatus* в Прибайкалье встречаются гораздо чаще, чем *Haemaphysalis concinna*. Кроме того, в 15 % суспензий таежного клеща обнаружено от 2 до 4 патогенов одновременно в разных сочетаниях.

Ключевые слова: иксодовые клещи, вирус клещевого энцефалита, анаплазмы, боррелии, эрлихии, риккетсии.

Иксодовые клещи способны передавать позвоночным животным широкий спектр патогенов, включая вирусы, бактерии и некоторые другие организмы. Зачастую в одном экземпляре переносчика имеется несколько возбудителей в разных сочетаниях (Коренберг и др., 2013; Конькова-Рейдман, Тер-Багдасарян, 2014; Moutailler et al., 2016), что может привести к одновременному заражению двумя, тремя и даже четырьмя инфекциями (Конькова-Рейдман, Тер-Багдасарян, 2014; Бесхлебова и др., 2015; Рудаков и др., 2015; Гранитов и др., 2017; Dedkov et al., 2017). Ко-инфекция нередко протекает тяжелее, чем инфицирование одним патогеном (Korenberg, 2004; Этенко и др., 2013) и/или с неспецифичными симптомами (Li-Qun Fang et al., 2015; Гранитов и др., 2017; Иванов и др., 2017), затрудняя диагностику и представляя большую угрозу для здоровья человека. Это делает особенно актуальным исследование клещей параллельно на серию патогенных агентов, что дает возможность быстро оценить ситуацию в сочетанных природных очагах по нескольким инфекциям одновременно.

Об интересе к проблеме и ее важности свидетельствует большое количество работ, посвященных поиску комплекса возбудителей в природных объектах на всем протяжении ареала иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ) и клещевого энцефалита (КЭ), как наиболее опасных и социально значимых заболеваний, переносимых клещами (Ливанова и др., 2009; Reye et al., 2010; Ebani et al., 2015; Rar et al., 2017; Zajac et al., 2017). В Прибайкалье доказано существование сочетанных природных очагов КЭ, иксодовых клещевых боррелиозов ИКБ, клещевого риккетсиоза (КР), моноцитарного эрлихиоза человека (МЭЧ) и гранулоцитарного анаплазмоза человека (ГАЧ) (Козлова и др., 2012). В то же время отсутствуют сведения о различиях в зараженности клещей по полу, сезонным и многолетним изменениям инфицированности переносчиков; недостаточно материалов о географических вариациях распространения патогенов, зараженности разных видов клещей и микст-инфицированности.

Цель данной работы — с помощью молекулярных методов исследования оценить зараженность иксодовых клещей в Прибайкалье на спектр трансмиссивных инфекций как в моноварианте, так и в разных сочетаниях в зависимости от места и времени отлова переносчиков, а также их половой и видовой принадлежности.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Голодных пастбищных клещей собирали на флаг в течение пяти сезонов (2013—2017 гг.) в Иркутском (Байкальский, Голоустненский и Мельничный тракты, окрестности пос. Большие Коты), Жигаловском, Слюдянском, Шелеховском, Эхирит-Булагатском районах Иркутской обл. и Тункинском р-не Республики Бурятия (рис. 1; табл. 1). Участки, на которых производили сбор членистоногих, являются эндемичными по КЭ и ИКБ, различаются по климато-географическим условиям, степени антропогенного воздействия, численности иксодовых клещей и заболеваемости регистрируемыми «клещевыми» инфекциями (Мельникова и др., 2014; Мельникова, 2018).

Подавляющая часть выборки (97.1 %) представлена таежным клещом *Ixodes persulcatus* Sch., 1930, *Haemaphysalis concinna* Koch, 1844 составили 2.8 % исследованных переносчиков, степные и лесостепные виды — *Dermacentor nuttalli* Olenev, 1928 и *D. silvarum* Olenev, 1931 — присутствовали в единичных случаях (табл. 2).

Клещей исследовали индивидуально, приготавливая из них суспензию на физиологическом растворе (по 0.5 мл на одного клеща). Наличие антигена (АГ) вируса КЭ выявляли иммуноферментным методом с помощью набора реагентов ИФА ТС АГ ВКЭ («Микроген», Томск) в соответствии с инструкцией производителя. Для исследования при помощи ПЦР ежегодно брали случайные выборки с каждого участка. Отдельно изучали суспензии, показавшие положительный результат в ИФА. РНК/ДНК выделяли, используя комплект реагентов «РИБО-преп»; обратную транскрипцию проводили, используя комплект «РЕВЕРТА-L»; геномный материал ВКЭ, ИКБ, возбудителей МЭЧ и ГАЧ выявляли методом ПЦР в реальном времени с помощью набора реагентов «АмплиСенс® TBEV, *B. burgdorferi* sl.,

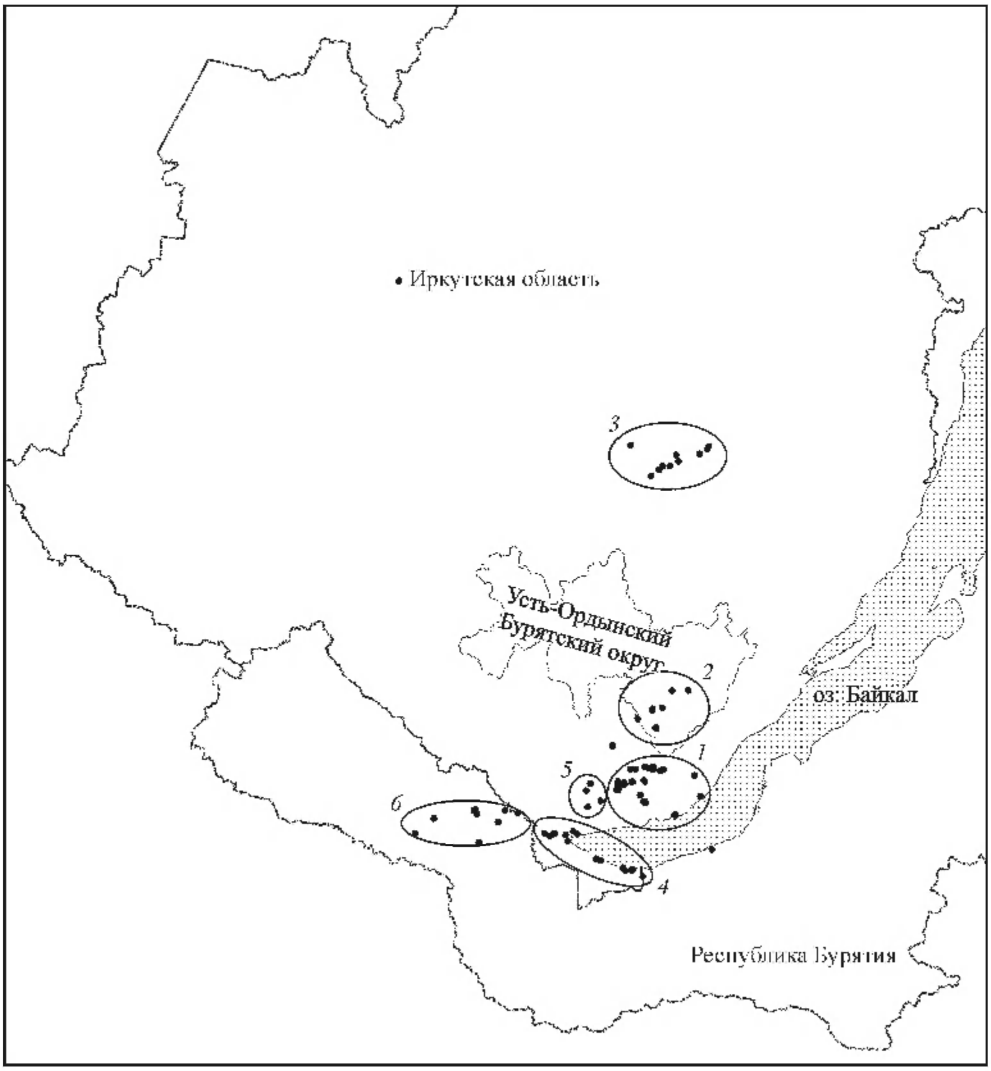

Рис. 1. Места сбора клещей.

Иркутская обл.: *1* — Иркутский р-н, *2* — Эхирит-Булагатский р-н, *3* — Жигаловский р-н, *4* — Слюдянский р-н, *5* — Шелеховский р-н; Республика Бурятия: *6* — Тункинский р-н.

Fig. 1. Localities for the taiga tick collection.

A. phagocytophilum, *E. chaffeensis*/*E. muris*-FL» (ФБУН ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, Москва). Результаты учитывали на термоциклере C1000™ Bio-Rad CFX96™ (США). ДНК риккетсий выявляли с помощью набора реактивов ПЦР-РВ (ЗАО «Синтол», Москва) и праймерами, приведенными в табл. 3, с последующей электрофоретической детекцией в 2%-ном агарозном геле.

Статистическую обработку данных проводили стандартными методами, используя программный продукт Microsoft Excel. За статистически достоверный принимали уровень значимости $P < 0.05$.

Таблица 1

Координаты основных мест сбора таежного клеща и его средняя численность на данных участках за период исследования (2013—2017 гг.)

Table 1. Geographical coordinates of the localities for the taiga tick collection and average numbers of the tick in these places during study period (2013—2017)

Место сбора	Географические координаты	Средняя численность (экз. на ф/ч)
Иркутская обл., Иркутский р-н		
Байкальский тракт, санаторий «Елочка»	52° 09′ 59″ с. ш. 104° 29′ 56″ в. д.	19.4 ± 1.89
Байкальский тракт, 30 км	52° 03′ 37″ с. ш. 104° 36′ 44″ в. д.	56.8 ± 7.22
Байкальский тракт, санаторий «Электра»	52° 00′ 33″ с. ш. 104° 39′ 30″ в. д.	43.9 ± 3.64
Байкальский тракт, Музей «Тальцы»	52° 00′ 15″ с. ш. 104° 40′ 28″ в. д.	49.7 ± 3.12
Голоустненский тракт, р. Солонянка	52° 15′ 22″ с. ш. 104° 52′ 22″ в. д.	39.3 ± 4.54
Голоустненский тракт, окр. Поливанихи	52° 15′ 59″ с. ш. 104° 45′ 57″ в. д.	33.1 ± 3.63
Мельничный тракт, окр. дер. Новогрудинино	52° 08′ 46″ с. ш. 104° 24′ 08″ в. д.	6.6 ± 0.98
Мельничный тракт, СНТ «Искусство»	52° 07′ 45″ с. ш. 104° 19′ 47″ в. д.	35.8 ± 5.75
Окр. пос. Большие Коты	51° 54′ 09″ с. ш. 105° 03′ 59″ в. д.	3.4 ± 1.14
Иркутская обл., Жигаловский р-н*		
Окр. пос. Жигалово, Тихий Плес	54° 49′ 07″ с. ш. 105° 05′ 58″ в. д.	47.9 ± 10.99
Окр. дер. Якимовки	54° 48′ 36″ с. ш. 105° 20′ 30″ в. д.	29.8 ± 5.88
Окр. пос. Жигалово, Заларинский тракт	54° 44′ 04″ с. ш. 105° 00′ 08″ в. д.	52.9 ± 15.08
Иркутская обл., Слюдянский р-н		
Окр. пос. Ангасолка	51° 45′ 18″ с. ш. 103° 44′ 06″ в. д.	19.7 ± 4.04
Окр. пос. Быстрая	51° 43′ 48″ с. ш. 103° 28′ 34″ в. д.	25.9 ± 5.77
Окр. г. Слюдянки, р. Талая	51° 40′ 56″ с. ш. 103° 40′ 10″ в. д.	42.8 ± 8.06
Окр. пос. Утулик	51° 32′ 12″ с. ш. 104° 02′ 33″ в. д.	37.4 ± 8.02
Р. Хара-Мурин	51° 27′ 15″ с. ш. 104° 24′ 63″ в. д.	21.4 ± 2.41
Р. Снежная, Теплые озера	51° 23′ 45″ с. ш. 104° 38′ 43″ в. д.	29.2 ± 4.54
Иркутская обл., Шелеховский р-н		
Окр. ст. Подкаменная	51° 57′ 51″ с. ш. 103° 55′ 22″ в. д.	65.2 ± 6.46
31-й км Култукского тракта	52° 08′ 34″ с. ш. 103° 58′ 21″ в. д.	51.0 ± 10.57
Иркутская обл., Эхирит-Булагатский р-н		
Окр. дер. Еловка	52° 35′ 97″ с. ш. 104° 49′ 17″ в. д.	12.4 ± 1.93
Республика Бурятия, Тункинский р-н*		
Местность Хонгор-Уула	51° 38′ 56″ с. ш. 102° 22′ 47″ в. д.	38.3 ± 11.22
Окр. Ниловой Пустыни, р. Ехэ-Ухгун	51° 42′ 12″ с. ш. 101° 39′ 42″ в. д.	18.7 ± 2.59
Р. Шабартайка	51° 42′ 72″ с. ш. 102° 45′ 9″ в. д.	51.9 ± 12.6

Примечание. * — в Жигаловском р-не наблюдения проводились только в 2016 г., в Тункинском р-не — только в 2017 г.

Таблица 2

Количество клещей, исследованных на наличие маркеров различных патогенов

Table 2. The number of ticks analyzed for different pathogens markers

Год	Вид клеща	Исследовано разными методами					
		ИФА	ОТ-ПЦР	ПЦР			
		АГ ВКЭ	РНК ВКЭ	*Anaplasma phagocytophilum*	*Ehrlichia chaffeensis/Ehrlichia muris*	*Borrelia burgdorferi* s.l.	*Rickettsia* spp.
2013	*Ixodes persulcatus*	2155	253	253	253	253	0
	Dermacentor silvarum	1	0	0	0	0	
2014	*I. persulcatus*	1793	313	313	313	284	246
	Haemaphysalis concinna	58	54	54	54	54	54
2015	*I. persulcatus*	2151	298	365	365	365	12
	H. concinna	97	33	33	33	33	20
2016	*I. persulcatus*	2594	275	275	275	275	23
	H. concinna	177	23	23	23	23	23
	D. silvarum	3	0	0	0	0	0
2017	*I. persulcatus s*	2773	423	423	423	423	0
	H. concinna	2	0	0	0	0	0
	D. nuttalli	3	3	3	3	3	0
	Итого по видам:						
	D. nuttalli	3	3	3	3	3	0
	D. silvarum	4	0	0	0	0	0
	H. concinna	334	110	110	110	110	97
	I. persulcatus s	11466	1562	1629	1629	1600	281
Всего		11807	1675	1742	1742	1713	378

Таблица 3

Праймеры, использованные для детекции ДНК риккетсий

Table 3. Primers used for *Rickettsia* spp. Detection

Ген	Размер ампликона (п. н.)	Последовательность праймеров (5′—3′) и их положение	Источник
gltA	355	CS535d GCAATGTCTTATAAATATTC (535—554) CS890r GCTTTAGCTACATATTTAGG (890—871)	Roux et al., 1997
ompA	661	Rr190.70p ATGGCGAATATTTCTCCAAAA (70—90) 190—701r GTTCCGTTAATGGCAGCATCT (701—681)	Roux et al., 1996
ompB	368	RtsfF GGGTGTAGGTCAGAACGTTACAACATTT (3675—3702) RtsfR CCAGCTAAACCGCCTTTCTTACTTT (4043—4019)	Roux, Raoult, 2000

Координаты мест сбора материала определяли с помощью GPS-приемника (спутникового навигатора) GPSMAP 76CSx в системе глобального позиционирования. Электронная карта мест сбора клещей создана с помощью программного продукта ArcGIS 9.3 (ESRI, Redlands, CA, USA).

КРАТКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ОБСЛЕДОВАННЫХ УЧАСТКОВ

Байкальский и Голоустненский тракты проходят по таежным округам предгорий Приморского хребта, где широко представлены подтаежные светлохвойные комплексы, а также смешанные сосново-березовые леса с примесью осины с хорошо развитым подлеском и густым разнотравьем. Вдоль обеих трасс расположено множество рекреационных зон, дачных и коттеджных поселков. На эти направления приходится почти половина заражений жителей Иркутска КЭ и ИКБ. Численность таежного клеща здесь постоянно высокая, в периоды максимальной активности — более 100 экз. на ф/ч.

Мельничный тракт пролегает по подтаежным биотопам вдоль р. Ангары к юго-западу от областного центра. Благоприятный микроклимат способствовал размещению на этом направлении большого количества дачных и коттеджных поселков, со всех сторон окруженных лесом. Случаев заболеваний «клещевыми» инфекциями здесь, однако, значительно меньше, чем на Байкальском и Голоустненском направлениях (Мельникова и др., 2014).

Поселок Большие Коты расположен в тайге у подножия Приморского хребта на побережье оз. Байкал, автомобильных дорог, ведущих к поселку нет. Климат умеренно-холодный с отрицательной среднегодовой температурой. Здесь преобладает таежный клещ, численность которого, однако, невелика (табл. 1). Встречаются и клещи р. *Dermacentor*.

Жигаловский р-н находится примерно в 400 км к северо-востоку от Иркутска в области Средне-Сибирского плоскогорья (преобладающие высоты 850—950 м над ур. м.). Климат континентальный. В тайге доминируют хвойные породы, а в фауне иксодовых — таежный клещ. Численность населения района незначительна, антропогенная нагрузка невелика, за исключением отдельных участков (Ковыктинское газовое месторождение).

Слюдянский р-н расположен на южном побережье Байкала. Почти 90 % площади занимают горно-таежные ландшафты. Перепад высоты в 1800 м обуславливает эффект ландшафтной поясности. Район отличается от других бо́льшим увлажнением и большей теплообеспеченностью. Территория в целом слабо преобразована человеком. Наиболее освоенная береговая зона протянулась на 150 км. В фауне иксодовых абсолютно доминирует таежный клещ, его численность на отдельных участках достигает 140 экз. на ф/ч. Случаи заражения людей КЭ регистрируются почти ежегодно.

Шелеховский р-н расположен в долине рек Иркута и Олхи на Иркутско-Черемховской равнине в зоне подтаежных сосновых и лиственнично-сосновых разнотравных лесов. Небольшой по территории район с северо-востока на юго-запад пересекают железнодорожная Транссибирская магистраль и федеральная автомобильная трасса М55 «Байкал», называемая Култукским трактом. Бо́льшая часть населения района проживает в г. Шелехов и р. п. Большой Луг, насыщенных промышленными предприятиями (металлургия, производство машин и оборудования, минеральных продуктов, деревообработка). Высокая численность таежного клеща (местами более 100 экз. на ф/ч) в сочетании с интенсивностью контакта населения с природными очагами обусловливают случаи заболевания клещевыми инфекциями, регистрируемые ежегодно.

Эхирит-Булагатский р-н входит в состав Усть-Ордынского Бурятского округа, расположенного в юго-восточной части Иркутской обл. Территория характеризуется умеренно теплым и недостаточно влажным климатом. Растительный покров представлен сложным сочетанием лесов, степей, лугов и болот. Лесная растительность занимает более половины общей площади округа и представлена темнохвойными (из кедра и ели), светлохвойными (из сосны и лиственницы) и мелколиственными (из березы и осины) лесами. Многие участки значительно нарушены хозяйственной деятельностью человека. На стыках ландшафтов здесь можно встретить одновременно иксодовых клещей трех родов — *Ixodes*, *Haemaphysalis* и *Dermacentor*. Численность таежного клеща невелика — до 10—15 экз. на ф/ч на пике активности. Среди болезней, передаваемых клещами, значительно преобладает КР.

Тункинский р-н занимает Саяно-Прибайкальскую часть западной Бурятии. На западе и юго-западе по массиву Мунку-Сардык и юго-восточным отрогам Большого Саяна проходит государственная граница России и Монголии. Северную половину района занимает Тункинская долина, уникальная своими целебными источниками. Она протянулась в широтном направлении на 200 км, постепенно поднимаясь до 1200 м над ур. м. По ложу долины течет главная река района — Иркут. Климат района резко континентальный, характеризуется большими суточными и годовыми амплитудами температур, небольшим количеством годовых осадков. Расположение на стыке двух зон Окино-Саянской горнотаежно-гольцовой и Хамар-Дабанской горнотаежнокотловинной является уникальным явлением, обеспечивающим большой разброс ландшафтов: от степей Северной Монголии до альпийских лугов и нивального пояса. Фауна иксодовых клещей представлена родами *Dermacentor* и *Ixodes*, населяющими характерные для них биотопы. В благоприятных ландшафтах численность таежного клеща достигает 200 и более экз. на ф/ч. В районе регистрируется заболеваемость КЭ, ИКБ и КР.

РЕЗУЛЬТАТЫ

В среднем за исследуемый период в клещах чаще всего встречался генетический материал риккетсий (Р) (71.2 ± 2.76 %) и боррелий (Б) (34.2 ± ± 1.15 %), затем, в порядке убывания, — анаплазм (А) (10.5 ± 0.73 %), эрлихий (Э) (5.0 ± 0.52) и ВКЭ (2.8 ± 0.40 %). РНК ВКЭ обнаруживалась в клещах значительно чаще, чем АГ (1.4 ± 0.11 %; $P < 0.001$), подтверждая более высокую чувствительность молекулярно-генетических методов исследования (Холодилов и др., 2014).

Процентное содержание исследованных патогенов[1] в клещах по годам варьировало (рис. 2, *а*) и оказалось статистически незначимым только для ВКЭ (диапазон вирусофорности по результатам ПЦР от 1.9 ± 0.71 до 4.0 ± 0.95 %; $P > 0.05$). Наибольший размах колебаний проявился при выявлении А (от 8.3 ± 1.38 до 13.6 ± 0.08 %; $P < 0.001$), чуть меньше он был у Б (от 29.9 ± 2.29 до 38.3 ± 2.35 %) и Э (от 3.1 ± 0.83 до 7.9 ± 1.70 %), $P < 0.05$ в обоих случаях. Динамика колебаний по годам доли клещей, содержащих Р, не анализировалась, поскольку исследования на риккетсии проводились только в течение трех лет.

Сезонные флюктуации были очень заметными по Б и Р и не столь очевидными по другим патогенам (рис. 2, *б*). Генетический материал Б существенно чаще встречался в суспензиях клещей, отловленных в начале и конце сезона активности переносчика, а именно — в начале мая (40.1 ± ± 3.37 %) и середине июня (39.6 ± 2.63 %), по сравнению с пиком его активности (конец мая — 29.8 ± 2.35 %; значения t от 2.5 до 2.8 при $df = \infty$). Те же тенденции наблюдались по Р (86—90 % зараженных клещей в начале и в конце сезона и 59—72 % в пик активности, $P < 0.05$). Наоборот, А значительно реже обнаруживались в конце апреля—начале мая (4.3—4.7 %; значения t от 2.4 до 3.8 при $df = \infty$), наибольшая доля их за сезон отмечена во второй декаде мая (14.1 ± 1.80 %) и по 10—11 % до второй декады июня включительно. По доле выявляемых Э в течение сезона не было достоверных различий. Максимум клещей, содержащих как АГ, так и РНК ВКЭ, приходился на вторую декаду мая (2.2 ± 0.33 и 4.9 ±

---

[1] Следует отметить, что, поскольку при поиске генетического материала боррелий и риккетсий были использованы родоспецифические праймеры, термин «патоген» используется условно, принимая во внимание, что не все микроорганизмы родов *Rickettsia* и *Borrelia* патогенны для человека.

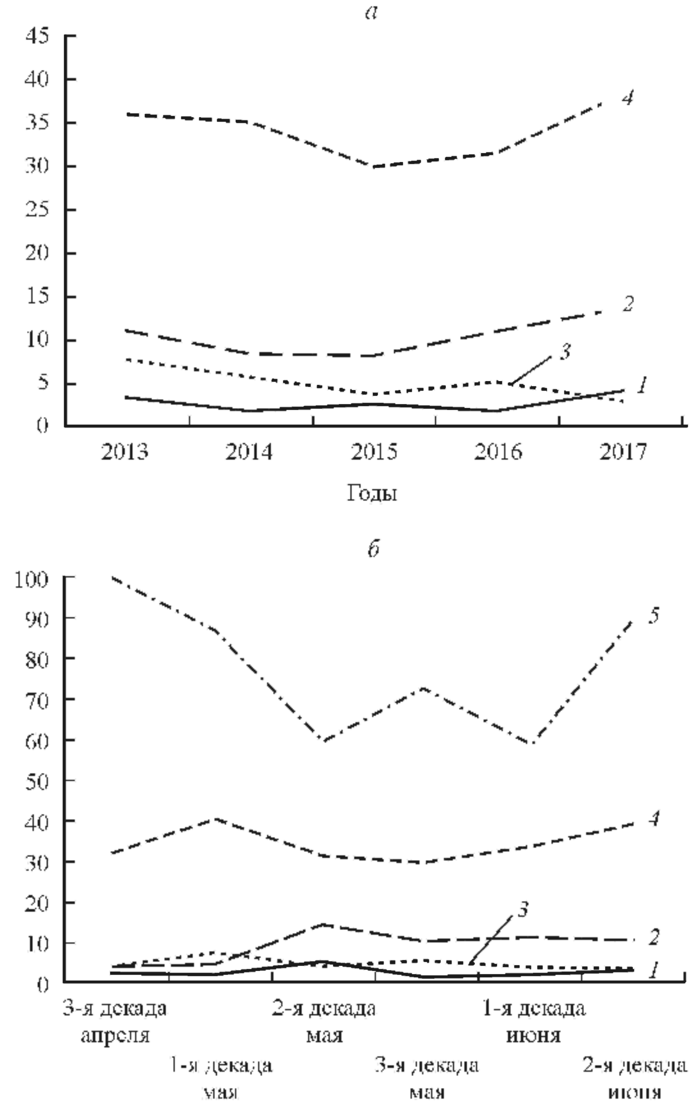

Рис. 2. Изменение выявляемости генетического материала клещевых инфекций по годам (*а*) и в течение сезона (*б*).

По вертикальной оси — % клещей с положительным результатом ПЦР, по горизонтальной оси — годы (рис. 2, *а*) и декады сезона активности клещей (рис. 2, *б*). *1* — ВКЭ, *2* — анаплазмы, *3* — эрлихии, *4* — боррелии, *5* — риккетсии.

Fig. 2. Dynamics of the detecting of the tick-borne infections genetic material during five-year period (*a*) and during the ticks' activity season (*b*).

± 1.22 % соответственно); минимальное количество клещей с РНК ВКЭ имело место в разгар активности переносчика (3-я декада мая) — 1.8 ± ± 0.72 %, различия статистически значимы ($P < 0.05$).

Существенных различий зараженности самцов и самок клещей исследованными микроорганизмами и ВКЭ не выявлено.

Отличия по содержанию генетического материала детектируемых патогенов у *I. persulcatus* и *H. concinna* изучали по выборке клещей, отловленных в зоне их совпадающего ареала в Эхнрнт-Булагатском р-не Иркутской обл. ($n = 187$). Таежный клещ значительно чаще нес в себе маркеры Б (*I. persulcatus* — 33.8 ± 5.39 %, *H. concinna* — 1.8 ± 1.27 %; $P < 0.001$), Р (86.8 ± 3.88 % против 13.3 ± 6.21 %; $P < 0.001$) и Э (6.5 ± 2.81 против 0 ± 0.08 %; $P < 0.05$), тогда как различия в зараженности двух этих видов ВКЭ (3.9 ± 2.21 и 3.6 ± 1.78 %; $P > 0.05$) и А (2.6 ± 1.81 и 2.7 ± 1.55 %; $P > 0.05$) статистически не достоверны.

Наибольшее разнообразие распространенности маркеров исследуемых микроорганизмов и ВКЭ проявилось в пространственном отношении (табл. 4). Видно, что на географически отдаленных друг от друга участках, по всей вероятности представляющих собой разные очаги, доля зараженности иксодовых клещей всеми патогенами достаточно сильно различается. То же касается участков, разделенных неровностями рельефа и/или водными преградами (Мельничный и Байкальский тракты в Иркутском р-не). По результатам ПЦР встреча с клещом, зараженным ВКЭ, вероятнее всего в Слюдянском, Шелеховском и Эхирит-Булагатском районах Иркутской обл.; боррелии чаще встречаются на Байкальском тракте, в Жигаловском р-не Иркутской обл. и в Тункинском р-не Бурятии; почти все клещи вдоль Голоустненского тракта содержат риккетсии. В ближайших пригородах Иркутска большую опасность с точки зрения заражения «клещевыми» инфекциями представляют собой таежные участки вдоль Байкальского тракта, гораздо меньше вероятность встретиться с инфицированным клещом в лесах вдоль Мельничного тракта. Эти результаты сопоставимы с полученными нами ранее по заболеваемости иркутян, заразившихся регистрируемыми клещевыми инфекциями на разных территориях Прибайкалья (Мельникова и др., 2014).

Генетический материал исследованных патогенов встречался в клещах не только в моноварианте, но и в различных сочетаниях. Двумя и более агентами оказалось поражено 15.0 % исследованных переносчиков (только *I. persulcatus*). Двойное инфицирование встречалось в 86.1 % случаев из общего числа микстов, 13.1 % микст-инфицированных клещей содержали в себе одновременно генетический материал трех групп патогенов, в двух суспензиях (с Байкальского и Голоустненского трактов) выявлено по четыре маркера одновременно: КЭ + А + Э + Б и А + Э + Б + Р. Варианты двойных инфекций: ВКЭ + А, ВКЭ + Э, ВКЭ + Б, А + Э, А + Б, А + Р, Э + + Б, Э + Р, Б + Р. Наиболее частыми сочетаниями закономерно были А + Б (32.9 % от всех «микстов») и Б + Р (69.7 % от «микстов», содержащих Р). Интересно, что при невысоком в целом поражении клещей эрлихиями (5 %), доля клещей, одновременно зараженных Э + Б, составила 13.1 % от всех ко-инфекций. Вероятное объяснение — занимаемые этими микробами разные «экологические ниши» в организме клеща при внутриклеточном (А, Р и Э) и внеклеточном (Б) паразитизме (Коренберг и др., 2013). Наиболее часто описываемое в литературе микст-инфицирование человека, вызванное сочетанием ВКЭ + Б, в нашей выборке встретилось в 6.2 % случаев. При тройном инфицировании число сочетаний было меньше: ВКЭ + А + Б, ВКЭ + А + Р, ВКЭ + Э + Б, А + Э + Б, А + Б + Р, Э + Б + Р. Последний вариант встречался чаще прочих (12.1 % от «микстов», содержащих Р). Соотношение полов среди микст-инфицированных клещей было 1:1. По результатам анализа клещи, содержащие одновременно несколько

Таблица 4

Распространенность «клещевых» патогенов на разных территориях Прибайкалья

Table 4. Tick-borne pathogens prevalence in different areas of Pribaikalie

Территория	Доля положительных результатов среди исследованных, %					
	ВКЭ		*B. burgdorferi* sl.	*A. phagocytophilum*	*E. Chaffeensis*/ *E. muris*	*Rickettsia* spp.
	ИФА	ПЦР				
			Иркутская обл.			
Иркутский р-н	1.6 ± 0.15	2.5 ± 0.50	36.1 ± 1.48	11.5 ± 1.01	5.9 ± 0.74	80.7 ± 2.74
Байкальский тракт	1.7 ± 0.19	3.6 ± 0.82	41.4 ± 1.95	12.6 ± 1.38	5.2 ± 0.93	85.0 ± 3.45
Голоустненский тракт	1.9 ± 0.31	1.1 ± 0.64	35.1 ± 2.98	13.7 ± 2.09	8.5 ± 1.69	92.0 ± 3.84
Мельничный тракт	0 ± 0.17	1.4 ± 1.00	12.1 ± 1.94	1.4 ± 1.00	2.8 ± 1.94	60.0 ± 6.93
Окр. п. Большие Коты	0 ± 4.35	0 ± 4.35	45.0 ± 11.12	20.0 ± 8.94	5.0 ± 4.87	н/и
Жигаловский р-н	0.8 ± 0.29	0 ± 1.38	44.9 ± 5.99	23.2 ± 5.08	8.7 ± 3.39	н/и
Слюдянский р-н	1.1 ± 0.25	6.0 ± 1.61	29.0 ± 2.99	7.8 ± 2.84	3.2 ± 1.20	59.2 ± 7.02
Шелеховский р-н	1.8 ± 0.27	3.6 ± 1.77	28.8 ± 4.30	9.0 ± 2.72	0.9 ± 0.90	н/и
Эхирит-Булагатский р-н	2.8 ± 0.76	4.8 ± 1.93	12.1 ± 2.93	4.8 ± 1.93	0.8 ± 0.80	57.9 ± 4.49
Итого по Иркутской обл.	1.4 ± 0.11	3.36 ± 0.47	33.1 ± 1.18	10.8 ± 0.79	4.8 ± 0.55	70.6 ± 2.35
			Республика Бурятия			
Тункинский р-н	0.9 ± 0.38	2.0 ± 1.12	44.4 ± 4.02	12.4 ± 2.67	5.2 ± 1.80	н/и

патогенов, отловленные в лесах вдоль Мельничного тракта (Иркутский р-н) (2.9 ± 1.41 %), в Шелеховском (5.4 ± 2.15 %) и Слюдянском (7.4 ± 1.77 %) районах, встречались существенно реже, чем в среднем по выборке (15.0 ± 0.87 %; $P < 0.001$ во всех случаях); наоборот, в Эхирит-Булагатском р-не (22.6 ± 3.75 %) и в лесных массивах вдоль Байкальского тракта (Иркутский р-н) (18.6 ± 1.63 %) микст-инфицированных переносчиков было больше среднего ($P < 0.05$).

В группе клещей, положительных по результатам ИФА на наличие АГ ВКЭ, РНК ВКЭ выявлена у 74.2 %; доля переносчиков, зараженных А, Б и Э, существенно не отличалась от таковой в рандомной выборке. Однако в этой совокупности было значительно выше относительное число членистоногих со следующими вариантами «микстов»: ВКЭ + А (9.5 ± 3.70 против 0.8 ± 0.58 %; $P < 0.01$), ВКЭ + Б (54.0 ± 6.28 против 6.2 ± 1.56 %; $P < 0.001$), ВКЭ + А + Б (15.9 ± 4.60 против 1.7 ± 0.82 %; $P < 0.001$) и ВКЭ + Э + Б (7.9 ± 3.41 против 0.4 ± 0.41; $P < 0.05$).

ОБСУЖДЕНИЕ

В последнее десятилетие исследование иксодовых клещей молекулярно-генетическими методами на спектр переносимых ими патогенов проводится по всему ареалу, где соответствующие инфекции являются эндемичными. Набор исследуемых патогенов различен и зависит от степени распространенности тех или иных возбудителей и их опасности для здоровья населения. В большинстве случаев проводится скрининг на боррелии (Б), анаплазмы (А), эрлихии (Э), бабезии (Ба), риккетсии (Р) и вирус клещевого энцефалита (ВКЭ). При этом хотя бы одним патогеном оказываются заражены до 88 % членистоногих (Rar et al., 2017). Чаще всего обнаруживается генетический материал *Rickettsia* spp.: в зависимости от вида, риккетсиями бывает поражено более половины клещей: 89.1 % *I. persulcatus* в Хабаровском крае (Иванов и др., 2017), 95.4 % *D. nuttalli* и 95.7 % *I. persulcatus* в Забайкальском крае (Яковчиц и др., 2015а). Даже на относительно небольших территориях результаты варьируют от нуля до 64 % в зависимости от места сбора материала (Coipan et al., 2013). В Иркутской обл. показана инфицированность *D. nuttalli*: 57.4 % в Ольхонском р-не (Богомазова и др., 2012) и от 63.6 до 91.6 % по другим районам (Яковчиц и др., 2015б). По нашим данным, разброс пораженности клещей *Rickettsia* spp. на разных территориях Прибайкалья составляет 57.9—92.0 %.

Второе место по частоте встречаемости в иксодовых клещах умеренного пояса, безусловно, принадлежит боррелиям, хотя распространенность их различается по видам переносчиков и географии находок. Зачастую доля клещей, зараженных *Borrelia* spp. в исследуемых выборках, даже превышает таковую Р (Reye et al., 2010; Paul et al., 2016; Sormunen et al., 2016). На территории России (Западная Сибирь) Б выявлены у 42.6 % *I. pavlovskyi* и 37.7 % *I. persulcatus* (Rar et al., 2017). В Казахстане (Восточно-Казахстанская обл.) до 40.6 % таежных клещей несут в себе Б (Егембердиева и др., 2016), в Хабаровском крае — 44.0 % (Иванов и др., 2017). Отмечены вариации обнаружения Б по годам (Paul et al., 2016); описаны также сезонные, половые (Kybicova et al., 2017) и возрастные (Sormunen et al., 2016;

Jensen et al., 2017) различия. В нашей выборке наибольшая вариативность обнаружения генетического материала Б наблюдалась в зависимости от места сбора материала (от 12.1 % из лесов по Мельничному тракту и Эхирит-Булагатскому р-ну до 45 % в окрестностях пос. Большие Коты и Жигаловском р-не). По годам и в течение сезона размах колебаний был не столь сильным, хотя разница между минимальным и максимальным значением достоверна (29.9—38.3 и 29.8—40.0 % соответственно; $P < 0.05$ в обоих случаях). Различия в зараженности Б самцов и самок клещей оказались несущественными (36.4 ± 1.71 и 40.8 ± 1.74 соответственно; $P > 0.05$).

Генетические маркеры анаплазм были третьими по частоте встречаемости в исследованной нами выборке. Процент находок более всего варьировал по месту сбора (от 1.4 % по Мельничному тракту до 23.2 % в Жигаловском р-не), довольно сильно — в течение сезона (от 4.3 % в начале сезона до 14.1 — в середине мая), гораздо меньше, но статистически значимо — по годам (от 8.3 ± 1.38 до 13.6 ± 0.08 %; $P < 0.001$) и незначительно по полу (11.5 % — самцы, 11.0 % — самки). По данным И. В. Козловой и др. (2007, 2012), процент выявления ДНК А как по Иркутской обл. в целом (2.5 %), так и по отдельным районам (от 1.4 до 5.6 %) сильно отличался от наших результатов (табл. 4). Это можно объяснить как временны́ми колебаниями, так и применением разных тест-систем. По данным литературы, кроме географических различий, доля обнаружения ДНК *A. phagocytophilum* у пастбищных клещей сильно варьировала по годам (Paul et al., 2016) и в течение сезона (осенью реже, чем весной и летом) (Kybicová et al., 2017). Выявление ДНК А зависело также от пола и возраста переносчика: обнаружена у 13.1 % самцов, 3.7 % самок и 1.6 % нимф *I. ricinus* в Чехии (Kybicová et al., 2017), 6.1 % имаго и 1.5 % нимф этого же вида клеща в Дании (Jensen et al., 2017). Кроме того, А чаще находили в клещах, собранных в городских парках, чем в пригородах и естественных местообитаниях (8.6, 0.8 и 1.6 % соответственно) (Kybicová et al., 2017). Диапазон колебаний выявления ДНК анаплазм безотносительно условий и характера выборки был близок к полученным нами результатам.

По данным литературы, процентное содержание ДНК эрлихий в членистоногих переносчиках сильно варьирует. В выборках, состоящих из разных видов клещей, принадлежащих к родам *Ixodes*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma* и *Rhipicephalus* с территории Ростовской обл., найдено от 0.6 (Ковалев и др., 2017) до 21.3 % (Романова и др., 2017) переносчиков, содержащих ДНК Э. В таежном клеще от Урала до Дальнего Востока ДНК Э выявляли чаще, чем ДНК А (Ливанова и др., 2009; Козлова и др., 2012; Rar et al., 2008, 2017), при этом доля положительных на *E. muris* результатов местами достигала 33.8 %. В нашем исследовании содержание ДНК Э в клещах практически со всех исследованных территорий ниже, чем Р, Б и А (табл. 4).

Генетический материал ВКЭ в клещах из Прибайкалья выявлялся реже всех прочих исследованных маркеров, варьируя от нуля до 6 % в зависимости от места сбора, от 2 до 4 % по годам и от 1.8 до 4.9 % — в течение сезона активности переносчика. Это достаточно хорошо согласуется с данными других авторов (Ливанова и др., 2009; Reye et al., 2010; Богомазова и др., 2012; Ефимова и др., 2017; Rar et al., 2017). Между тем в некоторых исследованиях приводится неправдоподобно высокий процент вирусофорности переносчика, в том числе не основного вида: 8.5 % *D. reticulatus* в Польше (Zajac et al., 2017), 14.7—24.1 % *I. pavlovskyi* в г. Томске (Микрюкова и др., 2017), 23.5—44.7 % клещей рода *Dermacentor* в Казахстане (Егембердиева и др., 2016). Последние цифры выглядят особенно странными с учетом приведенных в этой же статье данных о 3 % серопозитивности населения к ВКЭ. Возможно, эти данные получены при исследовании небольших выборок или же при исследовании пулов без пересчета на одну особь.

Микст-инфицирование клещей, по данным литературы, очень сильно варьирует в зависимости от набора исследуемых патогенов, вида клеща и в разных частях ареала, доходя до 38 сочетаний различных патогенов и симбионтов (Moutailler et al., 2016). Чаще других встречаются боррелиозно-риккетсиозные сочетания, включая и такие, при которых одновременно выявляют несколько видов боррелий, циркулирующих на данной территории, и риккетсии (Нефедова и др., 2008; Zając et al., 2017). В некоторых случаях большое количество «микстов» было образовано с ВКЭ (Zając et al., 2017), в Хабаровском крае ВКЭ в трети случаев имел сочетание с каждым из других возбудителей, *B. burgdorferi* s.l. — в 68.4 % случаев (Иванов и др., 2017). Отмечается также частое сочетание Б + А (Любенко и др., 2015), ВКЭ + А + Э обнаруживали в пробе клещей *I. persulcatus* из Ольхонского р-на Иркутской обл. (Богомазова и др., 2012). В нашем исследовании два и более патогена одновременно обнаружено у 15 % клещей (только *I. persulcatus*). Двойных сочетаний было 9 (с преобладанием Б + Р и А + Б), тройных — 6 (из них больше всего — Б + Э + Р) и 4 патогена одновременно встречались в двух сочетаниях.

К сожалению, мы не обладаем сведениями о количестве случаев по всему возможному спектру ко-инфицирования человека клещевыми патогенами в Прибайкалье. Вероятно, это обусловлено трудностями дифференциальной клинической диагностики ко-инфекций и регистрацией в первую очередь наиболее опасных и распространенных в нашем регионе заболеваний (КЭ, ИКБ и КР). В любом случае, для сравнения полученных нами данных с реальными показателями заболеваемости различными вариантами микст-инфекций в нашем регионе требуются дальнейшие исследования.

Таким образом, с помощью молекулярно-генетических методов на разных участках территории Прибайкалья, отличающихся по климато-географическим условиям, численности иксодовых клещей и заболеваемости регистрируемыми «клещевыми» инфекциями, в природных объектах выявлены маркеры возбудителей КЭ, МЭЧ, ГАЧ, ИКБ и КР (в порядке возрастания частоты встречаемости). Наиболее существенные различия в зараженности отмечены по пространственно-временны́м и видовым параметрам. Инфицированные клещи *I. persulcatus* в нашем регионе встречаются гораздо чаще, чем *H. concinna*. Кроме того, в 15 % суспензий таежного клеща обнаружено от 2 до 4 патогенов одновременно. Результаты исследования могут быть полезны для практического здравоохранения, организаций и учреждений Роспотребнадзора в плане выявления и своевременного снижения степени опасности для мест массового отдыха людей, расположенных в границах природных очагов «клещевых» инфекций, путем проведения санитарно-просветительной работы, применения средств индивидуальной профилактики и акарицидных обработок.

БЛАГОДАРНОСТИ

Авторы выражают признательность сотрудникам ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора С. А. Борисову, Ю. А. Вержуцкой, Е. А. Вершинину, М. О. Гориной, И. М. Морозову, А. Я. Никитину, Н. Н. Пивень, А. В. Севостьяновой, Е. А. Сидоровой, А. В. Холину, Р. А. Шиваренко и сотруднику Института географии им. В. Б. Сочавы СО РАН (Иркутск) Н. Е. Красноштановой, принимавшим участие в сборе клещей, а также А. Н. Бондарюку за техническое содействие в оформлении рисунка.

Список литературы

Бесхлебова О. В., Гранитов В. М., Дедков В. Г. 2015. Микст-формы клещевых инфекций в Алтайском крае. Журнал инфектологии. 7 (3): 19—20.

Гранитов В. М., Бесхлебова О. В., Арсеньева И. В., Матрос О. И. 2017. Клинические проявления клещевых микст-инфекций в Алтайском крае. Материалы IX Ежегодного Всероссийского конгресса по инфекционным болезням с международным участием. М. 73.

Егембердиева Р. А., Дмитровский А. М., Шапиева Ж. Ж. и др. 2016. Нозологическая структура и распространение клещевых инфекций в Казахстане. Национальные приоритеты России. 4 (22): 30—33.

Иванов Л. И., Здановская Н. И., Бахметьева С. В., Высочина Н. П. 2017. Мониторинг сочетанных очагов инфекций, передаваемых клещами на территории Хабаровского края. Актуальные проблемы болезней, общих для человека и животных. Материалы II Всероссийской научно-практической конференции А. Н. Куличенко (ред.). Ставрополь. 149—151.

Конькова-Рейдман А. Б., Тер-Багдасарян Л. В. 2014. Современные аспекты эпидемиологии инфекций, передающихся иксодовыми клещами. Эпидемиология и инфекционные болезни. 19 (5): 26—31.

Ковалев Е. В., Ерганова Е. Г., Ненадская С. А. и др. 2017. Эпидемиологический мониторинг и профилактика клещевых инфекций в условиях сочетанных природных и антропургических очагов Ростовской области. Материалы XI съезда Всерос. науч.-практич. общ-ва эпидемиологов, микробиологов и паразитологов. А. Ю. Попова (ред.). СПб.: ФБУН НИИ эпидемиологиии микробиологии им. Пастера. 210.

Козлова И. В., Злобин В. И., Верхозина М. М. и др. 2007. Результаты рекогносцировочных исследований по оценке эпидемиологической ситуации по моноцитарному эрлихиозу и гранулоцитарному анаплазмозу человека в Прибайкалье. Бюл. ВСНЦ СО РАМН. 3 (55): 112—116.

Козлова И. В., Дорощенко Е. К., Лисак О. В. и др. 2012. Видовое и генетическое разнообразие возбудителей клещевых инфекций на территории Восточной Сибири. Бюл. ВСНЦ СО РАМН. 2 (84). Ч. 2: 75—82.

Ливанова Н. Н., Ливанов С. Г., Рар В. А., Ткачев С. Е. 2009. Зоологические предпосылки существования на северном Урале инфекций человека, передающихся иксодовыми клещами. Национальные приоритеты России. 2: 53—55.

Любенко А. Ф., Рудакова С. А., Петрова Ю. А. 2015. Сочетанные природные очаги инфекций, передающихся иксодовыми клещами на различных ландшафтных территориях Западной Сибири. Итоги и перспективы изучения проблем инфекционных и паразитарных болезней. Сб. трудов. Тюмень: Изд-во Тюменского государственного университета. 1: 206—208.

Мельникова О. В. 2018. Динамика паразитарной системы клещевого энцефалита в Прибайкалье и ее влияние на заболеваемость населения. Дис. ... д-ра биол. наук. Иркутск. 294 с.

Мельникова О. В., Вершинин Е. А., Корзун В. М. и др. 2014. Применение ГИС-технологий в сравнительном анализе заболеваемости трансмиссивными клещевыми инфекциями (на примере города Иркутска). География и природные ресурсы. 3: 164—172.

Нефедова В. В., Коренберг Э. И., Федорова С. Ж. 2008. Клещ *Ixodes persulcatus* Sch. как возможный переносчик патогенных для человека микроорганизмов на северном Тянь-Шане (Кыргызстан) (National Center for infectious diseases with natural foci). Улаанбаатар. Scientific Journal. 16: 191—195.

Романова Л. В., Пичурина Н. Л., Москвитина Э. А. и др. 2017. Использование метода ПЦР для эпиднадзора за возбудителями «клещевых» инфекций (боррелиозы и эрлихиозы) в сочетанных очагах на территории Ростовской области. Сб. трудов: В.И. Покровский (ред.). Молекулярная диагностика. Тамбов: ООО фирма «Юлис». 2: 194—195.

Рудаков Н. В., Ястребов В. К., Рудакова С. А. 2015. Трансмиссивные клещевые инфекции в Российской Федерации. Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 27: 6—8.

Холодилов И. С., Белова О. А., Мотузова О. В. и др. 2014. Оценка зараженности клещей вирусом клещевого энцефалита с использованием различных методов исследования. Неоднозначность трактовки результатов. Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 3 (76): С. 29—35.

Этенко Д. А., Субботин А. В., Семенов В. А. 2013. Клинические проявления смешанной инфекции (клещевой энцефалит, клещевой боррелиоз) в Кемеровской области. Медицинская вирусология. XXVII (1): 49.

Яковчиц Н. В., Адельшин Р. В., Сидорова Е. А., Андаев Е. И. 2015а. Результаты молекулярно-генетического исследования ДНК риккетсий, обнаруженных в клещах на территории Забайкальского края. Журнал инфектологии. 7 (3): 102.

Яковчиц Н. В., Бондаренко Е. И., Адельшин Р. В. и др. 2015б. Выявление ДНК возбудителей клещевого риккетсиоза в клещах на территории Иркутской области. Эпидемиология и вакцинопрофилактика. 6 (85): 43—47.

Coipan E. C., Jahfari S., Fonville M. et al. 2013. Spatiotemporal dynamics of emerging pathogens in questing *Ixodes ricinus*. Front Cell Infect Microbiology. 3: 36. doi: 10.3389/fcimb.2013.00036.

Dedkov V. G., Simonova E. G., Beshlebova O. V. et al. 2017. The burden of tick-borne diseases in the Altai region of Russia.https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28648773 Ticks and Tick-borne Diseases. 8 (5): 787—794. doi: 10.1016/j.ttbdis.2017.06.004.

Ebani V. V., Bertelloni F., Turchi B. et al. 2015. Molecular survey of tick-borne pathogens in Ixodid ticks collected from hunted wild animals in Tuscany, Italy. Asian Pacific Journal of Tropical Medicine. 8 (9): 714—717. doi: 10.1016/j.apjtm.2015.07.033.

Jensen P. M., Christoffersen C. S., Moutailler S. et al. 2017. Transmission differentials for multiple pathogens as inferred from their prevalence in larva, nymph and adult of *Ixodes ricinus* (Acari: Ixodidae). Experimental and Applied Acarology. 71 (2): 171—182. doi: 10.1007/s10493-017-0110-5.

Korenberg E. I. 2004. Problems in the study and prophylaxis of mixed infections transmitted by ixodid ticks. International Journal of Medical Microbiology. 293. Suppl. 37: 80—85.

Kybicová K., Bastová K., Malý M. 2017. Detection of *Borrelia burgdorferi* sensu lato and *Anaplasma phagocytophilum* in questing ticks *Ixodes ricinus* from the Czech Republic. Ticks and Tick-borne Diseases. pii: S1877-959X(17)30083-3. doi:10.1016/j.ttbdis.2017.02.007.

Li-Qun Fang, Kun Liu, Xin-Lou Li et al. 2015. Emerging tick-borne infections in mainland China: an increasing public health threat. www.thelancet.com/infection Published online http://dx.doi.org/10.1016/S1473—3099(15)00177-2.

Moutailler S., Valiente Moro C., Vaumourin E. et al. 2016. Co-infection of Ticks: The Rule Rather Than the Exception. PLoS Neglected Tropical Diseases. 10 (3): e0004539. doi: 10.1371/journal.pntd.0004539.

Paul R. E., Cote M., Le Naour E., Bonnet S. I. 2016. Environmental factors influencing tick densities over seven years in a French suburban forest. Parasites & Vectors. 9 (1): 309. doi: 10.1186/s13071-016-1591-5.

Rar V. A., Livanova N. N., Panov V. V. et al. 2008. Prevalence of *Anaplasma* and *Ehrlichia* species in *Ixodes persulcatus* ticks and small mammals from different regions of the Asian part of Russia. International Journal of Medical Microbiology. doi:10.1016/j.ijmm.2008.01.001.

Rar V., Livanova N., Tkachev S. et al. 2017. Detection and genetic characterization of a wide range of infectious agents in *Ixodes pavlovskyi* ticks in Western Siberia, Russia. Parasites & Vectors. 10: 258. doi:10.1186/s13071-017-2186-5.

Reye A. L., Hübschen J. M., Sausy A., Muller C. P. 2010. Prevalence and Seasonality of Tick-Borne Pathogens in Questing *Ixodes ricinus* Ticks from Luxembourg. Applied and environmental microbiology. 76 (9): 2923—2931.

Roux V., Fournier P. E., Raoult D. 1996. Differentiation of Spotted Fever Group Rickettsiae by Sequencing and Analysis of Restriction Fragment Length Polymorphism of PCR Amplified DNA of the Gene Encoding the Protein rOmpA. Journal of Clinical Microbiology. 9: 2058—2065.

Roux V., Rydkina E., Eremeeva M., Raoult D. 1997. Citrate synthase gene comparson, a new tool for phylogenetic analysis, and application for the Rickettsiae. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 4: 252—261.

Roux V., Raoult D. 2000. Phylogenetic analysis of members of the genus *Rickettsia* using the gene encoding the outer-membrane protein rOmpB (ompB). International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 50: 1449—1455.

Sormunen J. J., Penttinen R., Klemola T. et al. 2016. Tick-borne bacterial pathogens in southwestern Finland. Parasites & Vectors. 9 (1): 168. doi: 10.1186/s13071-016-1449-x.

Zajac V., Wójcik-Fatla A., Sawczyn A. et al. 2017. Prevalence of infections and co-infections with 6 pathogens in *Dermacentor reticulatus* ticks collected in eastern Poland. Annals of Agricultural and Environmental Medicine. 24 (1): 26—32. doi: 10.5604/12321966.1233893.

DETECTION OF SPECTRUM OF PATHOGENS IN IXODID TICKS FROM COMBINED NATURAL FOCI OF THE BAIKAL REGION

O. V. Mel'nikova, R. V. Adel'shin, Yu. N. Trushina,
N. V. Yakovchits, E. I. Andaev

Key words: ixodid ticks, tick-borne encephalitis virus, *Anaplasma* spp., *Borrelia* spp., *Ehrlichia* spp., *Rickettsia* spp.

SUMMARY

Ixodid ticks, collected in different areas of the Baikal Region in 2013—2017, were tested for the spectrum of transmissive pathogens. According to the increase in the frequency of occurrence, genetic markers of the following pathogens were revealed: tick-borne encephalitis virus (TBE), the monocytic erlichiosis (HME), human granulocytic anaplasmosis (HGA), ixodid tick-borne borreliosis (ITB), and rickettsioses. Considerable differences have been detected in spatial and temporal prevalence of the agents. Infected *I. persulcatus* were much more common than *H. concinna* in our region. Besides, 15 % of taiga ticks have been co-infected with two or more agents in different combinations.